

Züchtungslehre - Lösung 5

Peter von Rohr

November 6, 2015

Aufgabe 1 (8)

Als erstes müssen wir den Datensatz einlesen.

```
> dfLmm <- read.csv2(file =
+   "http://charlotte-ngs.github.io/LivestockBreedingAndGenomics/w7/zl_w7_u5_DataLmm.csv")
```

Die Struktur der Daten ist ersichtlich mit dem Befehl

```
> str(dfLmm)

'data.frame':      240 obs. of  3 variables:
 $ ID           : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ FixerFactor: int  -1 -1 -1 -1 -1 -1 -1 -1 -1 ...
 $ y            : num  -35.6 -34 -35.4 -33.7 -37.4 ...
```

Das lineare gemischte Modell kann mit folgenden Befehlen angepasst werden.

```
> library(pedigreemm)
> nAnzAnim <- 6
> pedP1 <- pedigree(sire = as.integer(c(NA,NA,1, 1,4,5)),
+                     dam   = as.integer(c(NA,NA,2,NA,3,2)),
+                     label = as.character(1:nAnzAnim))
> fitReml <- pedigreemm(formula = y ~ FixerFactor + (1 | ID),
+                         data = dfLmm,
+                         pedigree = list(ID = pedP1))
> summary(fitReml)
```

```
Linear mixed model fit by REML ['lmerpedigreemm']
Formula: y ~ FixerFactor + (1 | ID)
Data: dfLmm
```

REML criterion at convergence: 968

```
Scaled residuals:
    Min     1Q Median     3Q    Max
  -1.00  -0.75  -0.50  -0.25   1.00
```

```
-2.3312 -0.6841 -0.0417  0.7137  2.8061
```

Random effects:

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
ID	(Intercept)	2.812	1.677
Residual		3.080	1.755

Number of obs: 240, groups: ID, 6

Fixed effects:

	Estimate	Std. Error	t value
(Intercept)	-23.6952	1.2262	-19.32
FixerFactor	13.0702	0.1953	66.92

Correlation of Fixed Effects:

(Intr)

FixerFactor -0.426

Als Zusatzaufgabe war gefragt, ein lineares gemischtes Modell anzupassen mit der Option "REML = FALSE". Das führt dazu, dass die Parameter mit Maximum Likelihood geschätzt werden.

```
> fitML <- pedigreemm(formula = y ~ FixerFactor + (1 | ID),
+                         data = dfLmm,
+                         REML = FALSE,
+                         pedigree = list(ID = pedP1))
> summary(fitML)

Linear mixed model fit by maximum likelihood  ['lmerpedigreemm']
Formula: y ~ FixerFactor + (1 | ID)
Data: dfLmm

AIC      BIC      logLik deviance df.resid
976.1    990.0   -484.0     968.1     236

Scaled residuals:
Min      1Q      Median      3Q      Max 
-2.35008 -0.67784 -0.03209  0.71339  2.77110 

Random effects:
Groups      Name      Variance Std.Dev.
ID          (Intercept) 1.706    1.306
Residual           3.084    1.756
Number of obs: 240, groups: ID, 6

Fixed effects:
Estimate Std. Error t value
(Intercept) -23.6808    0.9619  -24.62
```

```
FixerFactor 13.0650    0.1549    84.36
```

```
Correlation of Fixed Effects:  
          (Intr)  
FixerFactor -0.427
```

```
>
```

Aufgabe 2 (5)

Die in Aufgabe 2 gezeigte Liste wird mit einem Loop erzeugt. Der Loop läuft von 1 bis zur Anzahl der gewünschten Zeilen. Für die Liste in Aufgabe 2 beträgt die Anzahl Zeilen 10. Innerhalb des Loops entscheiden wir auf jeder Zeile, ob wir "rot" oder "gruen" ausgeben sollen. Eine mögliche Lösung dafür sieht wie folgt aus.

```
> nListLen <- 10  
> nLimit <- 8  
> for (idx in 1:nListLen){  
+   if (idx < nLimit) {  
+     cat(idx, "gruen\n", sep=", ")  
+   } else {  
+     cat(idx, "rot\n", sep=", ")  
+   }  
+ }
```



```
1, gruen  
2, gruen  
3, gruen  
4, gruen  
5, gruen  
6, gruen  
7, gruen  
8, rot  
9, rot  
10, rot
```